

<p>2002-365917/40 B04 D16 TAIS 2000.06.23 TAISHO PHARM CO LTD *JP 2002000274-A 2000.06.23 2000-190258(+2000JP-190258) (2002.01.08) C12N 15/09, C07K 14/47, C12Q 1/04, G01N 33/15, 33/53, 33/50, C12Q 1/68, C07K 16/18 A new gene and a protein encoded used for treating cerebral nerve diseases C2002-103692</p>	<p>B(4-E2F, 4-E3F, 4-G2, 4-H1, 11-C7A, 11-C10, 12-K4A5, 12-K4E, 14-J1, 14-N16) D(5-H9, 5-H11, 5-H12A, 5-H12B, 5-H17A2) .9</p> <p>(d) a DNA hybridizing with a DNA of S2 under a stringent condition and encoding a protein having guanine nucleotide exchanging factor activity. A DNA hybridizing with a DNA of S2 under a stringent condition and encoding a protein constituting a Lewy bodies. A DNA containing the base S6 shown in the specification, an antibody against the above protein, an antibody against an oligopeptide having part of the above protein and an antibody against one of the oligopeptides of S3 to S5. An agent for detecting Parkinson's disease containing the above antibody, a method for screening a compound inhibiting coagulation of the above protein or its salt, and a method for screening a compound promoting or inhibiting the expression of the above gene or its salt.</p> <p><u>USE</u> The protein can be used for treating cerebral nerve diseases.</p> <p> JP 2002000274-A+</p>
<p><u>NOVELTY</u> A protein (a) consisting of a defined amino acid sequence (S1) given in the specification. A protein (b) consists of S1 in which at least one amino acid is deleted, replaced or added in the amino acid and having guanine nucleotide exchanging factor activity.</p> <p><u>DETAILED DESCRIPTION</u> A protein consisting of an amino acid sequence in which at least one amino acid is deleted, replaced or added in the amino acid S1 and constituting Lewy bodies. A peptide containing one of the amino acid S3 to S5 as shown in the specification, a gene encoding the above protein, a gene consisting of (c) or (d): (c) a DNA consisting of the base S2 as shown in the specification,</p>	

<p><u>SAMPLE</u> A gene hucep-9 was cloned. (15pp097DwgNo.0/6)</p>	<p> JP 2002000274-A</p>
--	--------------------------

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開2002-274

(P2002-274A)

(43) 公開日 平成14年1月8日 (2002.1.8)

(51) Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テ-マコード (参考)
C 1 2 N 15/09	Z N A	C 0 7 K 14/47	2 G 0 4 5
C 0 7 K 14/47		16/18	4 B 0 2 4
16/18		C 1 2 Q 1/04	4 B 0 6 3
C 1 2 Q 1/04		1/68	A 4 H 0 4 5
1/68		G 0 1 N 33/15	Z

審査請求 未請求 請求項の数13 O L (全 15 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号 特願2000-190258(P2000-190258)

(22) 出願日 平成12年6月23日 (2000.6.23)

(71) 出願人 000002819

大正製薬株式会社

東京都豊島区高田3丁目24番1号

(72) 発明者 吉本 真

東京都豊島区高田3丁目24番1号 大正製
薬株式会社内

(72) 発明者 松本 佳代

東京都豊島区高田3丁目24番1号 大正製
薬株式会社内

(74) 代理人 100074114

弁理士 北川 富造

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 新規遺伝子及びそれにコードされる蛋白質

(57) 【要約】

【課題】 ヒト大脳皮質由来の新規蛋白質HUCEP-9と、それをコードする遺伝子huc e p-9を提供する。

【解決手段】 ヒト大脳皮質由来のcDNAライブラリーからのクローニングによって新規蛋白質HUCEP-9をコードする遺伝子huc e p-9が得られ、該遺伝子を有する発現ベクターによる形質転換体の培養により、新規蛋白質HUCEP-9が得られる。

【特許請求の範囲】

【請求項1】以下の(a)または(b)の蛋白質；

(a) 配列番号：1に記載のアミノ酸配列からなる蛋白質；

(b) 配列番号：1のアミノ酸配列において1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつグアニンヌクレオチド交換因子活性を有する蛋白質。

【請求項2】配列番号：1のアミノ酸配列において1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつレビー小体を構成する蛋白質。

【請求項3】配列番号：3～5のいずれかに記載のアミノ酸配列を含むペプチド。

【請求項4】請求項1または2に記載の蛋白質をコードする遺伝子。

【請求項5】以下の(c)または(d)からなる遺伝子；

(c) 配列番号：2に記載の塩基配列からなるDNA；

(d) 配列番号：2のDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、グアニンヌクレオチド交換因子活性を有する蛋白質をコードするDNA。

【請求項6】配列番号：2のDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、レビー小体を構成する蛋白質をコードするDNA。

【請求項7】配列番号：6に記載の塩基配列を含むDNA。

【請求項8】請求項1または2に記載の蛋白質に対する抗体。

【請求項9】請求項1または2に記載の蛋白質の1部を有するオリゴペプチドに対する抗体。

【請求項10】配列番号3～5のいずれかに記載のオリゴペプチドに対する抗体。

【請求項11】請求項9または10に記載の抗体を含有するパーキンソン病検査薬。

【請求項12】請求項1または2に記載の蛋白質の凝集を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法。

【請求項13】請求項4～6のいずれかに記載の遺伝子の発現を促進または阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術】本発明は、パーキンソン病に関連する蛋白質、該蛋白質をコードするDNA、およびパーキンソン病の検出に有用な抗体に関するものである。

【0002】

【従来の技術】パーキンソン病は手足の震えといった運動異常を主な症状とする神経変性疾患の一つであり、日本では約10万人、米国では50万人以上の患者がいると言われている。1997年に家族性パーキンソン病の原因

遺伝子が同定され、これが以前からシナプス蛋白質として知られていた α -synucleinに他ならないことが明らかになった(Polymeropoulos R et al Science 276, 2045(1997))。

【0003】すなわち α -synucleinをコードする遺伝子に1塩基の変異が生じ、 α -synuclein蛋白質に1アミノ酸の変異が導入されるとパーキンソン病が発症することが明らかになった。 α -synucleinは前シナプスに存在する140残基からなる蛋白質であるが(Maroteaux L et al J Neurosci 8, 2804(1988))、 α -synucleinに対する抗体がパーキンソン病の病理学的な特徴であるレビー小体と呼ばれる黒質神経細胞内の封入体と反応することが明らかになった(Spillantini M G et al Nature 388, 839(1997)；Wakabayashi K et al Neurosci Letters 239:45(1997))。

【0004】またレビー小体中では α -synuclein自身が凝集していることも明らかになった(Baba M et al Am J Pathol 152, 879(1998))。これらのことから少なくとも α -synucleinがレビー小体の成分であることが明らかになったが、細胞内で α -synucleinを単独で過剰に発現させてもレビー小体は形成されない。また、 α -synucleinと相互作用する蛋白質の一つとしてsynphilin-1がクローニングされた(Engelender S et al Nat Genet 22, 110(1999))。抗synphilin-1抗体もレビー小体と反応すること(Wakabayashi K et al Annals Neurol 47, 521(2000))などから、レビー小体形成には α -synuclein以外の蛋白質も深く関与していることが強く示唆された。

【0005】

【発明が解決しようとする課題】本発明は、レビー小体中に存在する新規蛋白質、それをコードする遺伝子および該蛋白質の抗体を提供することを目的とする。

【0006】また、本発明は、該蛋白質の発現を調整する化合物や該蛋白質の凝集を阻害する化合物を見出すスクリーニング方法を提供することを目的とする。

【0007】

【課題を解決するための手段】本発明者らは、ヒト脳組織で特異的に発現している遺伝子にコードされている蛋白質を鋭意研究の結果、新規蛋白質(以下、HUCEP-9とする)とそれをコードする遺伝子(以下、huc e p-9とする)の単離に成功した。さらに、

①HUCEP-9はグアニンヌクレオチド交換因子活性を有すること

②HUCEP-9に対する抗体を調製したところ、該抗体がパーキンソン病の病理学的な特徴であるレビー小体と反応することを見出し、本発明を完成するに至った。

【0008】即ち、本発明は、(1) (a) 配列番号：1に記載のアミノ酸配列からなる新規蛋白質HUCEP-9、または(b) 配列番号：1のアミノ酸配列において1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換または付加されたアミノ酸配列からなり、かつ、グアニンヌクレオチ

ド交換因子活性を有する蛋白質、(2) 配列番号: 1 のアミノ酸配列において1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換または付加されたアミノ酸配列からなり、かつ、レビー小体を構成する蛋白質、(3) 配列番号: 3 ~ 5 のいずれかに記載のアミノ酸配列を含むペプチド、

(4) (1) または (2) に表された蛋白質をコードする遺伝子、(5) (c) 配列番号: 2 に記載の塩基配列からなるDNA; または、(d) 配列番号: 2 のDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、グアニンヌクレオチド交換因子活性を有する蛋白質をコードするDNA、(6) 配列番号: 2 のDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ、レビー小体を構成するものであるDNA、(7) 配列番号: 6 に記載の塩基配列を含むDNA、(8) (1) または

(2) に記載の蛋白質に対する抗体、(9) (1) または (2) に記載の蛋白質の1部を有するオリゴペプチドに対する抗体、(10) (8) または (9) に記載の抗体を含有するパーキンソン病検査薬、(11) (1) 又は (2) に記載の蛋白質の凝集を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法、(12) (4) ~ (6) のいずれかに記載の遺伝子の発現を促進または阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法、(13)

(12) または (13) に記載のスクリーニング方法を用いて得られる化合物またはその塩、である。

【0009】

【発明の実施の形態】 遺伝子hucp-9は、ヒト大脳皮質由来のcDNAライブラリーから、該遺伝子を含んだcDNA断片として単離することができる。本発明者らが使用したcDNAライブラリーは、クローンテック社から市販されているヒト大脳皮質のmRNAをもとに調製したものであるが、ストラタジーン社から市販されているヒト大脳皮質のmRNAをもとにしても、同様にcDNAを調製することができる。

【0010】 上述のcDNAライブラリーにおいて、ヒト脳組織で特異的に発現している遺伝子を有すると思われるcDNAを識別する方法として、大久保らの方法(Okubo et al., Nature Genet., 2, 173(1992)) による、遺伝子発現の出現頻度を解析する方法を用いることができる。具体的には、ヒト大脳皮質のmRNAを鋳型とし、適当な制限酵素で開環させたベクタープラスミドの一端にオリゴdTを結合させたものをプライマーとしてcDNA合成を行った後、制限酵素MboIと制限酵素BamHIで切断する。当該ベクターはdamメチラーゼ陽性の大腸菌を宿主として調製されたため、MboIの認識配列である「GATC」のA残基がメチル化されている。従って、MboIは新たに合成されたcDNA部分のみを切断する。当該ベクターはオリゴdTを結合させた末端とは反対側の末端近傍にBamHI切断部位を1ヶ所だけ有しているので本酵素は当該ベクターを1ヶ所切断し、さらに新たに合成されたcDNA部分にもしB.

amHI認識配列が存在すれば、その部位も切断する。BamHIとMboIは「GATC」なる配列からなる、同一の付着端を生ぜしめるため、両酵素で切断した後、DNAリガーゼを作用させれば、プラスミドを開環することができる。

【0011】 本方法においてはこのようにして調製したプラスミドを用いて大腸菌を形質転換することによってcDNAライブラリーを構築した。従って当該ライブラリーは各mRNAの3' 端のポリA部位から、その5' 側部分のうち最初にGATCなる塩基配列が出現する部位までの領域を含んでいる。当該cDNAライブラリーから無作為に適当個数の組換え体を選択し、各組換え体中のcDNAを抽出してその全塩基配列を決定する。本方法は、このようにして決定された特定配列を有するcDNA断片が、無作為に選択された組換え体の中から幾つ確認されるかをもって、臓器特異的遺伝子および高発現遺伝子を識別する方法である。本方法において、組換え体cDNAの抽出並びにcDNAの塩基配列の決定は、いずれも当業者にとって自公知の各種操作方法

(Molecular Cloning, 2nd. ed., ColdSpring Harbor Lab. Press, (1989)、その他当業者にとって標準的な方法を紹介した技術解説書等に記載の方法、以下常法とする) により行うことができる。

【0012】 尚、高発現遺伝子を識別する方法では、無作為に選択する組換え体の総数は数百から千程度が適当であるが、必要ならばそれ以上の個数の組換え体を処理すればよい。本発明者らは上記方法を実施し、770個の組換え体中のcDNA断片の塩基配列を全て決定し、その中から、同一の配列を有するcDNAとしての出現頻度が2/770以上であったcDNA断片を、ヒト脳で特異的に発現している遺伝子を有するDNA断片の候補として選別した。

【0013】 上記cDNA断片は前述したとおり、mRNAの3' 端の一部の領域しか含んでいない。そこで本発明者らは当該領域(以下3' 断片)の塩基配列情報を元にして、全鎖長cDNAを取得した。

【0014】 これはクローンテック社から市販されているヒト大脳皮質cDNAライブラリーを鋳型とし、上記3' 断片内の配列を有する適当な長さのオリゴヌクレオチドとベクター中の配列を有する同程度の長さのオリゴヌクレオチドをそれぞれ合成し、これらをプライマーとして用いることによって、PCR法を用いて行った。その結果、約2.6kbのDNA断片を増幅することができた。この際、鋳型としてはストラタジーン社から市販されているヒト大脳皮質cDNAライブラリーを用いることもできる。これはまた、クローンテック社またはストラタジーン社から市販されているヒト大脳皮質のmRNAを鋳型とし、クローンテック社またはギブコ社の5' RACEキットを用いることによっても行うことができる。さらにこれはまた、上記3' 断片をプローブと

して、上記ヒト大脳皮質 cDNA ライブラリーをコロニーハイブリダイゼーションまたはブランクハイブリダイゼーションで、常法に従ってスクリーニングすることによっても行うことができる。

【0015】上記方法によって増幅した cDNA 断片は、ノバジェン社から市販されている pT7Blue-T ベクターに組み込み、常法に従って全塩基配列を決定した。この際、組換え DNA を独立に 2 クローン取得して、それぞれの cDNA 断片の塩基配列を決定することにより、配列の確認を行った。

【0016】上記方法によって選別した cDNA 断片中に存在すると思われる遺伝子が、脳組織で特異的に発現していることの確認は、該 cDNA 配列の臓器特異的な発現頻度をノーザンハイブリダイゼーションで確認することで行うことができる。具体的には、クローンテック社またはストラタジーン社から市販されている、ヒトの各臓器から抽出した mRNA をアガロースゲル電気泳動で分画し、メンブレンフィルターに転写した後、上記方法によって選別した cDNA 断片をプローブとして、常法に従ってハイブリダイゼーションを行った。本発明者らはこの方法を用い、該 cDNA 配列の発現についての臓器特異性を調べた。その結果、脳以外の他の臓器、器官、細胞等でも該 cDNA 配列の多少の発現が認められたものの、それに比べ大脳皮質で特異的に発現していたことを確認した。

【0017】このことは、該 cDNA 配列中に、ヒト脳で特異的に発現し正常な脳機能の維持に必須である所望の遺伝子が存在することを、強く示唆するものである。

【0018】塩基配列中の蛋白質をコードする領域 (ORF, open reading frame) の存在は、塩基配列をコンピュータープログラムを用いて解析する汎用の方法により確認することができる。該 cDNA 配列の中に目的とする遺伝子の存在を確信した本発明者らは、コンピューターを利用して該配列中に ORF を見だし、この遺伝子を遺伝子 hucep-9 (human cerebral protein の略)、該遺伝子にコードされる蛋白質を HUCEP-9 と命名した。

【0019】遺伝子 hucep-9 は、配列番号：2 に示される 2244 塩基対 (bp) からなる遺伝子である。この遺伝子 hucep-9 を用い、適当な宿主ベクター系による一般的な遺伝子組み換え技術によって、組み換え遺伝子を調製することができる。適当なベクターとしては、大腸菌由来のプラスミド (例、pBR322、pUC118 その他)、枯草菌由来のプラスミド (例、pUB110、pC194 その他)、酵母由来のプラスミド (例、pSH19 その他)、さらにバクテリオファージやレトロウィルスやワクシニアウィルス等の動物ウィルス等が利用できる。組み換えに際しては、適当な合成 DNA アダプターを用いて翻訳開始コドンや翻訳終止コドンを付加することも可能である。さらに該遺

伝子を発現させるために、遺伝子の上流に適当な発現プロモーターを接続する。使用するプロモーターは、宿主に応じて適宜選択すればよい。例えば、宿主が大腸菌である場合には、T7 プロモーター、lac プロモーター、trp プロモーター、λ PL プロモーターなどが、宿主がバチルス属菌である場合には SPO 系プロモーター等が、宿主が酵母である場合には PHO5 プロモーター、GAP プロモーター、ADH プロモーター等が、宿主が動物細胞である場合には SV40 由来プロモーター、レトロウィルスプロモーター等が、それぞれ使用できる。

【0020】また該遺伝子を他の蛋白質 (例、グルタミオン S トランスフェラーゼ、プロテイン A その他) との融合蛋白質として発現させることも可能である。このようにして発現させた融合型 HUCEP-9 は、適当なプロテアーゼ (例、トロンビン、エンテロキナーゼその他) を用いて切り出すことが可能である。

【0021】hucep-9 の発現の際に利用できる宿主としては、エシェリヒア属菌である *Escherichia coli* の各種菌株、バチルス属菌である *Bacillus subtilis* の各種菌株、酵母としては *Saccharomyces cerevisiae* の各種菌株、動物細胞としては COS-7 細胞、CHO 細胞等が利用できる。

【0022】上記組み換えベクターを用いて宿主細胞を形質転換する方法としては、常法または各宿主細胞に対して一般に用いられる形質転換方法が適用できる。

【0023】本発明である新規蛋白質 HUCEP-9 は、配列番号：1 に示されるごとく、全アミノ酸 747 残基からなる分子量 83921、2 ダルトンの蛋白質である。また、アミノ酸配列上第 242~297 番目、及び第 463~672 番目にそれぞれ Ras グアニンヌクレオチド交換因子モチーフが存在することがわかった。

【0024】尚、本発明においては、配列番号：2 に示した DNA 配列の他に、該 DNA とハイブリダイズし、かつ、グアニンヌクレオチド交換因子活性を有する蛋白質をコードする DNA についても、本発明の範囲内である。

【0025】グアニンヌクレオチド交換因子活性とは、グアノシン二リン酸またはグアノシン三リン酸と結合しうる蛋白質からグアノシン二リン酸を除去しグアノシン三リン酸に交換する作用をいう。

【0026】また、配列番号：2 に示した DNA とハイブリダイズし、かつ、レビー小体を構成する蛋白質をコードする DNA についても、本発明の範囲内である。

【0027】すなわち、遺伝子 hucep-9 の全長配列において、種々の人為的処理、例えば部位特異的変異導入、変異剤処理によるランダム変異、制限酵素切断による DNA 断片の変異・欠失・連結等により、部分的に DNA 配列が変化したものであっても、これら DNA 変異体が遺伝子 hucep-9 とストリンジェントな条件

下でハイブリダイズし、かつ、そこにコードされる蛋白質に対する抗体が後述するようにレビー小体との反応性を有するものであれば、配列番号：2に示したDNA配列との相違に関わらず、本発明の範囲内のものである。

【0028】上記のDNA変異の程度は、遺伝子huc e p-9のDNA配列と90%以上の相同性を有するものであれば許容範囲内である。また、遺伝子huc e p-9とハイブリダイズする程度としては、通常の条件下（例えばDIG DNA Labelingkit（ペーリンガー・マンハイム社製 Cat No.1175033）でプローブをラベルした場合に、32℃のDIG Easy Hyb溶液（ペーリンガー・マンハイム社製 Cat No.1803556）中でハイブリダイズさせ、50℃の0.5xSSC溶液（0.1% [w/v] SDSを含む）中でメンブレンを洗浄する条件（1xSSCは0.15M NaCl、0.015M クエン酸ナトリウムである）でのサザンハイブリダイゼーションで、遺伝子huc e p-9にハイブリダイズする程度であればよい。

【0029】また、上記のごとく遺伝子huc e p-9と相同性の高い変異体遺伝子にコードされる蛋白質であって、グアニンヌクレオチド交換因子活性を有する、または該蛋白質に対する抗体がレビー小体との反応性を有する蛋白質もまた、本発明の範囲内のものである。

【0030】すなわち、新規蛋白質HUCEP-9のアミノ酸配列の1もしくは複数のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加された変異体であっても、グアニンヌクレオチド交換因子活性を有するか、または該変異体に対する抗体がレビー小体と反応するものであれば、該変異体は本発明の範囲内である。

【0031】蛋白質の構成要素となるアミノ酸の側鎖は、疎水性、電荷、大きさなどにおいてそれぞれ異なるものであるが、実質的に蛋白質全体の3次元構造（立体構造とも言う）に影響を与えないという意味で保存性の高い幾つかの関係が、経験的にまた物理化学的な実測により知られている。例えば、アミノ酸残基の置換については、グリシン（Gly）とプロリン（Pro）、Glyとアラニン（Ala）またはバリン（Val）、ロイシン（Leu）とイソロイシン（Ile）、グルタミン酸（Glu）とグルタミン（Gln）、アスパラギン酸（Asp）とアスパラギン（Asn）、システイン（Cys）とスレオニン（Thr）、Thrとセリン（Ser）またはAla、リジン（Lys）とアルギニン（Arg）、等が挙げられる。

【0032】従って、配列番号：1に示した蛋白質HUCEP-9のアミノ酸配列上の置換、挿入、欠失等による変異蛋白質であっても、その変異がHUCEP-9蛋白質の3次元構造において保存性が高い変異であって、その変異蛋白質がHUCEP-9と同様のグアニンヌクレオチド交換因子活性又は抗原性を有していれば、これらは本発明の範囲内にあるものと言うことができる。変

異の程度としては、配列番号：1に示したアミノ酸配列との相同性が、90%以上のものが許容し得る範囲である。

【0033】また本発明は、本発明の蛋白質HUCEP-9に対する抗体を用いることを特徴とするパーキンソン病の検出方法である。具体的には本発明は、HUCEP-9またはHUCEP-9の配列の一部を有するオリゴペプチドを抗原としてウサギ、ヤギ、ロバ、マウスなどの動物に投与し、公知の方法を用いて当該抗原に対する抗血清またはモノクローナル抗体を取得し、当該抗体を用いて病理標本を免疫組織染色することにより、当該標本を提供した患者がパーキンソン病であるか否かを検出する方法である。HUCEP-9の配列の一部を有するオリゴペプチドとは、例えばArg Ala Glu Gly Asn Pro Arg Gly Thr Asp Leu Glu Asn Pro Arg Glu（配列番号3）、Met Ala Arg Thr Ser Ser Arg Ala Pro Cys（配列番号4）、Asp Lys Leu Arg Arg Met Lys Ala Thr Phe Gln（配列番号5）をあげることができる。

【0034】さらにまた本発明は、HUCEP-9の凝集を阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法である。

【0035】さらにまた本発明はhuc e p-9の発現を促進または阻害する化合物またはその塩のスクリーニング方法である。例えば、本遺伝子及びその上流領域を組み込んだ細胞に試験化合物を接触させて、接触させない場合に比べて本遺伝子に相補的なmRNA量が増加していれば、本遺伝子の発現を促進する物質として選択することができ、該mRNA量が減少していれば、本遺伝子の発現を阻害する物質として選択することができる。

【0036】

【発明の効果】HUCEP-9は、レビー小体中に存在し、グアニンヌクレオチド交換因子活性を有するため、パーキンソン病と関連するものと考えられる。したがって、HUCEP-9を研究することにより新たな脳神経疾患治療薬に役立つことが期待される。

【0037】また、HUCEP-9と反応する抗体を調製することによりパーキンソン病の検査を行うことができる。

【0038】以下実施例を挙げて詳述するが、本発明はこの実施例に限定されないことは言うまでもない。

【0039】

【実施例】実施例1 遺伝子huc e p-9のクローニング

1) 大脳の正常機能の維持に必須な遺伝子の部分配列の決定

ヒト大脳皮質のmRNA（クローンテック社）を鋳型として、大久保らの方法（Okubo et al. Nature. Genet., 2, 173(1992)）により、大脳皮質のcDNAライブラリーを作成した。

【0040】次いで、当該ライブラリーから無作為に7

770個の組換え体を選択し、常法 (Molecular Cloning, 2nd. ed., Cold Spring Harbor Lab. Press, 1989, 以下同じ) に従って、組換えDNAを抽出し、cDNA部分の3'側の塩基配列を決定した。配列決定にはPEアプライドバイオシステムズ社製のDNAシーケンサー (ABI PRISM377) と同社製反応キットを用いた。770個の組換え体中の各DNA断片の発現頻度を解析した結果、図1に示す配列 (配列-1: 配列番号7) を有する遺伝子の発現頻度が2/770であった。

2) 配列-1を含むcDNA断片の増幅

配列-1 (配列番号7) を含むcDNA断片の増幅を以下の方法により行った。

【0041】まず、配列-1の1部分と相補的な配列を有するオリゴヌクレオチド (図1; 配列-2 (配列番号8)) を、PEアプライドバイオシステムズ社製のDNA合成機 (ABI 380B) で合成した。次いで、ラムダファージクローニングベクター (λ DR2) のcDNA挿入部位近傍の配列を有するオリゴヌクレオチド (配列-3: 配列番号9) を同様に合成した。 λ DR2をクローニングベクターとする、Human Brain cerebral cortex 5'-STRETCH cDNA library (クローンテックラボラトリーズ社製) を鋳型として、配列-2 (配列番号8) のオリゴヌクレオチドと配列-3 (配列番号9) のオリゴヌクレオチドをプライマーとしてPCRを行った。当該反応には宝酒造 (株) 製のキット (タカラ LA-PCR Kit Ver. 2) を用い、宝酒造 (株) 製のPCRサーマルサイクラーMPを使用した。

【0042】反応組成液

cDNA library (10^8 pfu/ml)	5 μ l
10 \times PCR緩衝液	5 μ l
2.5mM dNTP	1 μ l
10 μ M オリゴヌクレオチド (配列-2)	2 μ l
10 μ M オリゴヌクレオチド (配列-3)	2 μ l
水	34.5 μ l
LA DNAポリマーゼ	0.5 μ l
総量	50 μ l

反応条件

95℃で2分保持後、95℃で20秒間反応させ、58℃まで-1℃/2秒の速度で冷却し、58℃で1分間保持し、更に72℃で4分間保持した。これを35回繰り返して、目的配列を増幅させた。

【0043】上記方法により、配列-1の一部を有するDNA断片 (約2.6 kb) を特異的に増幅させた (図2、図3)。

3) 塩基配列決定用ベクターへのサブクローニング

2) で増幅したDNAを、常法に従ってアガロースゲル電気泳動 (ゲル濃度1%) で分画した。ゲルをエチジルブロマイドで染色した後、紫外光照射して目的とするバンドを含むゲルを切り出した。

【0044】アガロースゲルからのDNA断片の抽出と

精製は、GenecleanII Kit' (パイオ101社製) を用いて行った。

【0045】この精製DNA断片を、塩基配列決定用ベクター、pT7Blue T-Vector (ノバジェン社製) にサブクローニングした。Ligation溶液は、宝酒造 (株) 製のキット (タカラ DNA Ligation Kit Ver. 2) を用い、16℃で1.5時間反応させた。

【0046】上記反応溶液を用いて常法に従って大腸菌K12株DH5の形質転換を行った。

【0047】形質転換体をアンピシリン (Amp) 50 μ g/ml、5-Bromo-4-Chloro-3-indolyl- β -D-galactoside (X-gal) 40 μ g/ml、Isopropyl- β -D-Thio-Galactopyranoside (IPTG) 100 μ Mを含有するLB寒天培地にプレーティングし、37℃で一晩培養した。

【0048】白色コロニーを50 μ g/mlのAmpを含むLB液体培地10mlに接種して37℃で一晩培養し、遠心分離によって菌体を集めた後、QIAprep Spin Plasmid Miniprep Kit (キアゲン社製) で組換えDNAを精製した。このようにして構築した組換えDNAをpThucp-9と命名した。

4) DNA断片の塩基配列の決定

塩基配列決定にはPEアプライドバイオシステムズ社製のDNAシーケンサーを用い、ダイターミネーター法を用いた。決定された塩基配列を元にしてオリゴヌクレオチドを合成し、プライマーウオーキング法で全塩基配列を決定した。両鎖の塩基配列を決定した。当該クローンのcDNAの全塩基配列を図3に示した。当該塩基配列が配列-2の相補鎖の上流を含んでいたことから、目的とする遺伝子 (human cerebral protein-9, hu c e p-9) がクローニングされたことを確認した。

【0049】当該cDNAは747残基より成る蛋白質 (HUCEP-9) をコードする翻訳領域 (open reading frame, ORF) を含んでいる。

実施例2 抗HUCEP-9抗体の調製

HUCEP-9の配列の一部を有するオリゴペプチド

(図1; 配列-4 (配列番号3)) をミリボア社製のペプチド合成機を用いて合成した。その際、C末端側にCys残基を付加したペプチドを合成し、該Cys残基を介して公知の方法を用いてKLH (Keyhole Limpet Hemocyanine) と結合させ、ウサギに免疫して抗血清を取得した。免疫後、経時的に採血して血清を調製した。抗原として用いたペプチドを96穴のマイクロタイタープレートに固定し、ELISA法によって血清中の抗体価を測定した (図4)。抗体価が十分上昇したことを確認した後に、全採血して血清からプロテインAカラムクロマトグラフィーによりIgG画分を精製した。次いで抗原を結合させたカラムを用いたアフィニティークロマトグラフィーにより抗原特異的なIgG画分を精製した。当該画分の抗体価はELISA法によって測定した (図

5)。

実施例3 抗HUCEP-9抗体を用いた免疫組織染色

実施例2で調製したIgGを用い、公知の方法を用いて

ヒト脳組織の免疫染色を行ったところ、パーキンソン病

の病理学的特徴の一つであるレビー小体が強く染まった
(図6)。

【配列表】

<110>;TAISHO PHARMACEUTICAL Co.Ltd.

<120>;Novel Gene and Protein Ecoded Thereby

<130>; OOTS-P3061

<141>;2000-06-23

<160>;2

<210>;1

<211>;747

<212>;PRT

<213>;HOMO SAPIENS

<400>;1

Met	Ala	Arg	Thr	Ser	Ser	Arg	Ala	Pro	Cys	Ser	Pro	Thr	Ser	Val
				5					10					15
Ser	Asp	Val	Asp	Ser	Asp	Ala	Leu	Ser	Arg	Gly	Asn	Phe	Glu	Val
				20					25					30

Gly	Phe	Arg	Pro	Gln	Arg	Ser	Val	Lys	Ala	Glu	Arg	Ala	Gln	Gln
				35					40					45
Pro	Glu	Ala	Gly	Glu	Asp	Arg	Arg	Pro	Ala	Gly	Gly	Ala	Ser	Asp
				50					55					60
Val	Glu	Ala	Val	Thr	Arg	Leu	Ala	Arg	Ser	Lys	Gly	Val	Gly	Pro
				65					70					75
Ala	Leu	Ser	Pro	Gly	Pro	Ala	Gly	Phe	Gln	Ser	Cys	Ser	Pro	Gly
				80					85					90
Trp	Cys	Ser	Ala	Phe	Tyr	Glu	Ala	Asp	Cys	Phe	Gly	Ala	Asp	Val
				95					100					105
His	Asn	Tyr	Val	Lys	Asp	Leu	Gly	Arg	Gln	Gln	Ala	Asp	Gly	Ala
				110					115					120
Leu	Pro	Asp	Ala	Gln	Ser	Pro	Glu	Leu	Glu	Gln	Gln	Leu	Met	Met
				125					130					135
Glu	Lys	Arg	Asn	Tyr	Arg	Lys	Thr	Leu	Lys	Phe	Tyr	Gln	Lys	Leu
				140					145					150
Leu	Gln	Lys	Glu	Lys	Arg	Asn	Lys	Gly	Ser	Asp	Val	Lys	Thr	Met
				155					160					165
Leu	Ser	Lys	Leu	Lys	Gly	Gln	Leu	Glu	Glu	Met	Lys	Ser	Arg	Val
				170					175					180

Gln	Phe	Leu	Ser	Leu	Val	Lys	Lys	Tyr	Leu	Gln	Val	Met	Tyr	Ala
				185					190					195
Glu	Arg	Trp	Gly	Leu	Glu	Pro	Cys	Thr	Leu	Pro	Val	Ile	Val	Asn
				200					205					210
Ile	Ala	Ala	Ala	Pro	Cys	Asp	Thr	Leu	Asp	Phe	Ser	Pro	Leu	Asp
				215					220					225
Glu	Ser	Ser	Ser	Leu	Ile	Phe	Tyr	Asn	Val	Asn	Lys	His	Pro	Gly
				230					235					240
Gly	Arg	Gln	Lys	Ala	Arg	Ile	Leu	Gln	Ala	Gly	Thr	Pro	Leu	Gly

245	250	255
Leu Met Ala Tyr	Leu Tyr Ser Ser Asp Ala Phe Leu Glu Gly Tyr	
260	265	270
Val Gln Gln Phe	Leu Tyr Thr Phe Arg Tyr Phe Cys Thr Pro His	
275	280	285
Asp Phe Leu His	Phe Leu Leu Asp Arg Ile Asn Ser Thr Leu Thr	
290	295	300
Arg Ala His Gln	Asp Pro Thr Ser Thr Phe Thr Lys Ile Tyr Arg	
305	310	315
Arg Ser Leu Cys	Val Leu Gln Ala Trp Val Glu Asp Cys Tyr Ala	
320	325	330
Val Asp Phe Pro	Arg Asn Ser Gly Leu Leu Gly Lys Leu Glu Asp	
335	340	345
Phe Ile Ser Ser	Lys Ile Leu Pro Leu Asp Gly Ser Ala Lys His	
350	355	360
Leu Leu Gly Leu	Leu Glu Val Gly Met Asp Arg Arg Ala Glu Gly	
365	370	375
Asn Pro Arg Gly	Thr Asp Leu Glu Asn Pro Arg Glu Ala Glu Glu	
380	385	390
Asp Ala Arg Pro	Phe Asn Ala Leu Cys Lys Arg Leu Ser Glu Asp	
395	400	405
Gly Ile Ser Arg	Lys Ser Phe Pro Trp Arg Leu Pro Arg Gly Asn	
410	415	420
Gly Leu Val Leu	Pro Pro His Lys Glu Arg Pro Tyr Thr Ile Ala	
425	430	435
Ala Ala Leu Pro	Lys Pro Cys Phe Leu Glu Asp Phe Tyr Gly Pro	
440	445	450
Cys Ala Lys Thr	Ser Glu Lys Gly Pro Tyr Phe Leu Thr Glu Tyr	
455	460	465
Ser Thr His Gln	Leu Phe Ser Gln Leu Thr Leu Leu Gln Gln Glu	
470	475	480
Leu Phe Gln Lys	Cys His Pro Val His Phe Leu Asn Ser Arg Ala	
485	490	495
Leu Gly Val Met	Asp Lys Ser Thr Ala Ile Pro Lys Ala Ser Ser	
500	505	510
Ser Glu Ser Leu	Ser Ala Lys Thr Cys Ser Leu Phe Leu Pro Asn	
515	520	525
Tyr Val Gln Asp	Lys Tyr Leu Leu Gln Leu Leu Arg Asn Ala Asp	
530	535	540
Asp Val Ser Thr	Trp Val Ala Ala Glu Ile Val Thr Ser His Thr	
545	550	555
Ser Lys Leu Gln	Val Asn Leu Leu Ser Lys Phe Leu Leu Ile Ala	
560	565	570
Lys Ser Cys Tyr	Glu Gln Arg Asn Phe Ala Thr Ala Met Gln Ile	
575	580	585
Leu Ser Gly Leu	Glu His Leu Ala Val Arg Gln Ser Pro Ala Trp	
590	595	600
Arg Ile Leu Pro	Ala Lys Ile Ala Glu Val Met Glu Glu Leu Lys	
605	610	615

Ala Val Glu Val Phe Leu Lys Ser Asp Ser Leu Cys Leu Met Glu		
620	625	630
Gly Arg Arg Phe Arg Ala Gln Pro Thr Leu Pro Ser Ala His Leu		
635	640	645
Leu Ala Met His Ile Gln Gln Leu Glu Thr Gly Gly Phe Thr Met		
650	655	660
Thr Asn Gly Ala His Arg Trp Ser Lys Leu Arg Asn Ile Ala Lys		
665	670	675
Val Val Ser Gln Val His Ala Phe Gln Glu Asn Pro Tyr Thr Phe		
680	685	690
Ser Pro Asp Pro Lys Leu Gln Ser Tyr Leu Lys Gln Arg Ile Ala		
695	700	705
Arg Phe Ser Gly Ala Asp Ile Ser Thr Leu Ala Ala Asp Ser Arg		
710	715	720
Ala Asn Phe His Gln Val Ser Ser Glu Lys His Ser Arg Lys Ile		
725	730	735
Gln Asp Lys Leu Arg Arg Met Lys Ala Thr Phe Gln		
740	745	747

<;210>;2

<;211>;2244

<;212>;DNA

<;213>;HOMO SAPIENS

<;400>;2

atggccagga ccagcagcag ggccccctgc tcacccacct cgggtgtcgga tgtggactcg	60
gacgcactgt caccgggaaa cttcgagggtg gggtttcggc ctcagaggtc cgtaaaagcc	120
gagagagcgc agcagcctga ggctggcgag gacagacggc cagctggcgg ggccctcagac	180
gtggaggcag tgaccgcact ggccagggtcc aaaggggtcg gccagcctt gtccccggc	240
ccagccggat tcagagctg cagccccggc tgggtcagcg cttctacga ggccgactgc	300
ttcggggcgc acgtccacaa ctacgtgaag gacctggggc ggccagcaggc ggacggggcc	360
ctgcccagc gccagagccc ggagctggaa cagcagctca tgatggagaa aagaaactac	420
cgcaagaccc tgaagtctta ccagaaactc ttacagaagg aaagaggaa caaaggttc	480
gacgtcaaga ccatgtctgc caagctgaaa gggcagctag aagaatgaa atccagggtg	540
caattctca gcttggtaaa gaagtatctg caggtcatgt acgcggaaac ctggggcctg	600
gagccctgca cctcccagat gatcgtgaac atcggggcgc caccctcgca cagctggac	660
ttcagccccc tggacgagtc ctctcgtctc atctcttaca acgtcaacaa gcacccgggc	720
ggccggcaga aggcccgcat cctgcaggcc ggcacgcgc tggggctcat ggcctacctg	780
tactccagtg atgccttctt ggagggttat gtgcagcaat tcctctacac ctcccgctac	840
ttctgcacac cccacgactt cctgcacttc ctctcgacc gcatcaacag cagctgacc	900
agggccacc aggacccac ctcgaccttc accaagatct acaggcggag cctctgcgtc	960
ctgcaggcct gggtaggagga ctgctacgt gtggacttcc ctcggaacag cgggctgctg	1020
gggaagctag aggacttcat ctctccaag atctacccc tggacggctc tgccaagcac	1080
ctgctgggcc tcttgaggt gggcatggac cggcgggccc agggcaacc tcgcggcaca	1140
gacctggaga accccaggga ggccgaggag gatgccagac cttcaacgc cctctgtaag	1200
aggctctcag aggacggcat ctccaggaag agcttccct ggaggtgcc ccgaggcaac	1260
gggctgtgtc tgccgccaca caaggagcgc ccctacacca ttgtgccgc cctgcccag	1320
ccctgcttcc tcgaggactt ctacggcccc tgcgccaaga ccagtgagaa ggggcctac	1380
ttctgacgg agtacagcac tcaccagctc ttacgccage tcacgtgct acagcaggag	1440
ttgtttcaaa agtgcacccc ggtccacttc ctgaactcac gggccctggg cgtcatggac	1500

aagagcactg ccattcccaa agccagctct tctgagtctc ttctggccaa aacctgcagc 1560
 ttatttctgc ccaattacgt tcaggacaag tatctgttac agcttctaag aaacgcagat 1620

gacgtcagca cctgggtggc tgcagagatt gtgaccagcc acacctccaa gctgcaggtg 1680
 aacttgctgt ccaaattttt gctgattgca aaatcttgct atgagcagag aaacttcgcg 1740
 acagccatgc agatcctgag cgggctggag cacctggccg tgaggcagtc cctgcctgg 1800
 agaattctgc ctgcaaagat agcagaggtc atggaggagc tgaaagccgt ggaggtcttc 1860
 ctgaagagcg acagcctgtg tctgatggaa gggcggcgct tccgggcgca gccaccctg 1920
 cctcggggcc acctcctggc catgcacatc cagcagctgg agacaggcgg cttcaccatg 1980
 accaacgggg ccacaggtg gagcaagctc aggaacatcg caaagtggtg gagccaggtg 2040
 cagcgttcc aggagaacct ttacacctc agccccgacc ccaagctcca gtcgtacctc 2100
 agcagagga ttgcccgtt cagcgtgccc gacatttcca cactcggcg agatagcagg 2160
 gccaaacttc accaggtctc cagcgagaag cactcacgga agattcagga caagctacgg 2220
 aggatgaagg ctacattcca gtag 2244

<;210>;3

<;211>;16

<;212>;PRT

<;213>;Artificial Sequence

<;400>;3

Arg Ala Glu Gly Asn Pro Arg Gly Thr Asp Leu Glu Asn Pro Arg

5

10

15

Glu

16

<;210>;4

<;211>;10

<;212>;PRT

<;213>;Artificial Sequence

<;400>;4

Met Ala Arg Thr Ser Ser Arg Ala Pro Cys

5

10

<;210>;5

<;211>;10

<;212>;PRT

<;213>;Artificial Sequence

<;400>;5

Asp Lys Leu Arg Arg Met Lys Ala Thr Phe Gln

5

10

<;210>;6

<;211>;48

<;212>;DNA

<;213>;Artificial Sequence

<;400>;6

cgggccgagg gcaaccctcg cggcacagac ctggagaacc ccaggagg 48

<;210>;7

<;211>;298

<;212>;DNA

<;213>;HOMO SAPIENS

<;400>;5

gatccgaatc cgactgtggg gggcgggctg ggaggtggga gccgcgtctc 60

```

aggcccgcc gttatcaagg cccctccgcc cccgaaccct ggggagctgg 120
accaggaggt ggaggctcag gggaccccat ggggacagc agagctggtc 180
tcctcccagc agacggagcc aggacgggca caagagtctt ggaggtttgc 240
gtgtttctgc tagaattaaa aagttaaatt taaaaatgaa aatgnaaa 298
<;210>;8
<;211>;30
<;212>;DNA
<;213>;Artificial Sequence
<;400>;6
cctccaagac tcttgtgccc gtcttggtc 30
<;210>;9
<;211>;27
<;212>;DNA
<;213>;Artificial Sequence
<;400>;7
cgaaccactg aattccgcat tgcagag 27

```

【図面の簡単な説明】

【図1】図1の配列-1は大脳皮質のcDNAライブラリーより得られる組み換え体中で高い発現頻度を示すDNA断片を表わし、配列-2〜3は配列-1を含むDNA断片のクローニングに用いたオリゴヌクレオチドを示す。配列-2は配列-1の部分配列であり、配列-3はクローニングに用いたcDNAライブラリーのベクターであるラムダDR2の部分配列である。配列-4は抗原

として用いたオリゴペプチドの配列を表す。

【図2】遺伝子hucp-9を含むDNA断片の塩基配列(1)

【図3】遺伝子hucp-9を含むDNA断片の塩基配列(2)

【図4】抗体価の上昇を示すグラフ。

【図5】抗原特異的IgGの精製の結果を示すグラフ。

【図6】免疫組織染色結果を示す。

【図1】

【図1】

配列-1

```

gatccgaatccgactgtggggggcgggcaggaggaggagccgcgtctc
aggcccgcccggttatcaaggccccctccgccccgaaccctgggagctgg
accaggaggaggagggtcaggggaccccatggggacaggcagagctgggc
tcctcccagcagacggagccaggacgggcacaaagagctctggagggttgc
gtgtttctgctagaattaaaaagttaaatttaaaaatgaaaatgnaaa

```

配列-2

```

cctccaagactcttgtgcccgtcttggtc

```

配列-3

```

cgaaccactgaattccgcatgtgcagag

```

配列-4

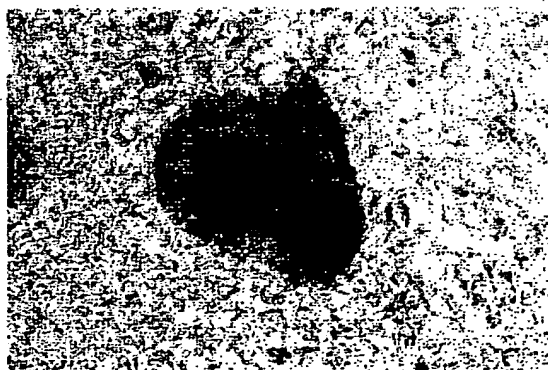
Arg Ala Glu Gly Asn Pro Arg Gly Thr Asp Leu Glu Asn Pro Arg Glu

【図2】

【図2-1】

gcgccagcca iggccaggac cagcagcagg gcccccctgct caccaccctc gggtcggat 60
giggacicgg acgcacigtc acggggaaac ttcgaggtag gggttcggcc tcagaggicc 120
gtaaaagccg agagagcgca gcagccigag gctggcgagg acagacggcc agctggcggg 180
gcttcagacg tggaggcagc gaccgcacig gccaggicca aagggttcgg cccagccitg 240
tccccggcc cagccggat ccagagcigc agccccggct ggtagcgc cttciacgag 300
gccgacigct tggggccga cgtccacaac tacgigaagg accggggccg gcagcagcgc 360
gacggggccc tgcctgacgc ccagagcccg gagctggaac agcagctcat gatggagaaa 420
agaaactacc gcaagaccc cgaagcttac cagaaactct tacagaagga aaagaggaa 480
aaaggctccg acgicagac catgctgicc aagctgaaag ggcagctaga agaaatgaaa 540
tccagggtgc aattctcag ctgggtcaag aagtaicgc aggtatgta cgcggaacgc 600
tggggccig agccccgac cctcccgag atcgtgaaca tgcggccgc accctgcgac 660
acgttgact tcagccccct ggacgagtc tctcgtca tctctaca cgtcaacaag 720
caccggggcg gccggcagaa ggccgcac ctcgagccg gcacgccgt ggggtcag 780
gctaccigt actccagta tgccttcctg gagggtatg tgcagcaat cctciacacc 840
tccgctact tctgcacacc ccacgactt ctcgacttc tctcgaccg catcaacagc 900
acgtgacca gggcccacca ggacccacc tgcactica ccaagacta caggcggagc 960
ctctgcgicc tgcagcccg ggtaggagc tgcctagctg tggacttccc tgggaacagc 1020
gggtcgcig ggaagctaga ggacttcat tctccaaga tcttaccct ggacggctct 1080
gccaaagacc tgcctggcct cctggaggcg ggcatggacc ggcggggcca ggcaaccct 1140
cgcggcacag accctggaga cccagggag gccgaggagg atgcagacc ctcaacgcc 1200
ctctgtaaga ggcctcaga ggacggcat tccaggaaga gcttccccg gaggctgccc 1260

【図6】



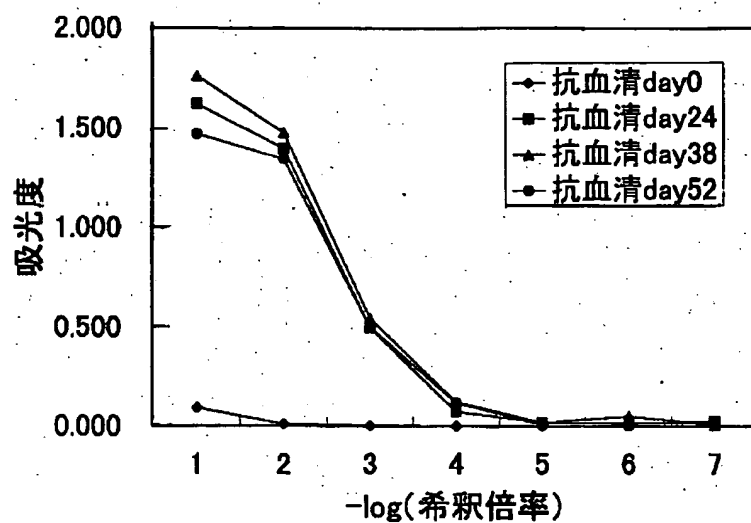
【圖3】

【圖2-2】

cgaggcaacg ggclgglgct gccgccacac aaggagcgcc cctacacat tgcigccgcc 1320
 ctgcccaagc cctgcttcc tggaggacttc taccgcccci gcgccaagac cagtgagaag 1380
 gggccctact tccigacgga gtacagcaact caccagctct tccagccagct cagctgctia 1440
 cagcaggagi tgtttcaaaa gggccaccgg gtcacttcc tgaactcagc ggccctgggc 1500
 gtcattggaca agagcacigc cctcccaaaa gccagctct tggagctct ttcggccaaa 1560
 acctgcagct tatctctgcc caattacgtt caggacaagi atctgttaca gcttctaaga 1620
 aacgcagatg acgtcagcac ctgggtggct gcagagatg tgaccagcca cacttccaag 1680
 ctgcaggiga acttgctgic caaatititg ctgatigcaa aatcttgctia tgagcagaga 1740
 aacttcgga cagccatgca gactctgagc gggctggagc acctggccgt gaggcagctc 1800
 cctgccigga gaattctgcc tgcagaata gcagaggica tggaggagct gaaagccgig 1860
 gaggcttcc tgaagagcga cagctgigt ctgatggaag ggcggcgctt ccgggcgcag 1920
 cccacctgc cctggccca cctctggcc atgcacatcc agcagctgga gacaggcggc 1980
 ttcaccaiga ccaacggggc ccacaggigg agcaagctca ggaacatgc aaagggtgtg 2040
 agccaggigc acgcttcca ggagaacct tacccttca gcccgcacc caagctccag 2100
 tcttaccica agcagaggat tgcctgttc agcgggtgcc acatttccac actcgcgcga 2160
 gatagcaggg ccaacttcca ccaggcttcc agcgagaagc attcacggaa gattcaggac 2220
 aagctacgga ggaigaagc taccctccag tagccagct cgggctgtgt gttgaattcc 2280
 agatccgaat ccgactgtg ggggggggt gggaggtgg agccgcgtct caggcccggt 2340
 cgtttatcaag gccccccgc cccgaacct tggggagctg gaccaggagg tggaggctca 2400
 ggggaccca tggggacagg cagagctgtt cctctccag cagacggagc caggacgggc 2460
 acaagagict tggagga 2477

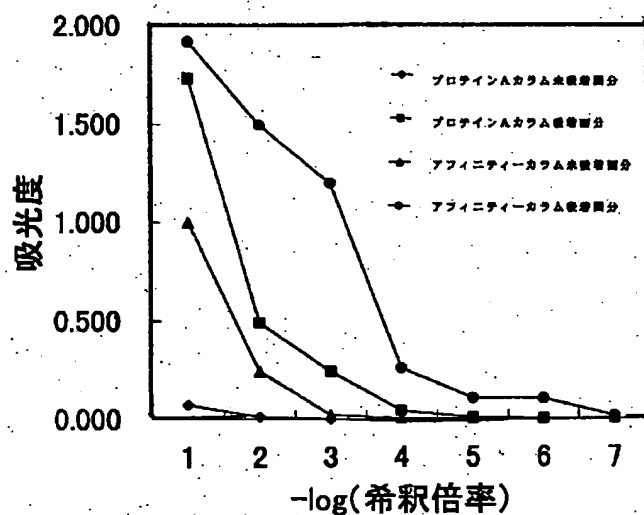
【図4】

抗体価の上昇



【図5】

抗原特異的な抗体の調製



フロントページの続き

(51) Int. Cl. ⁷

G 0 1 N 33/15
33/50

33/53

識別記号

F I

G 0 1 N 33/50

33/53

C 1 2 N 15/00

テーマコード(参考)

T

Z

D

Z N A A

(72)発明者 齋藤 まどか
東京都豊島区高田3丁目24番1号 大正製
菓株式会社内

Fターム(参考) 2G045 AA25 AA34 AA35 AA40 DA12
DA13 DA14 DA36 DA77 FB02
FB03
4B024 AA01 AA11 BA61 BA80 CA01
CA04 HA01 HA11 HA15
4B063 QA01 QA18 QA19 QQ02 QQ79
QQ96 QR32 QR40 QR48 QS15
QS33
4H045 AA10 AA11 AA20 AA30 BA10
CA45 DA75 DA86 EA50 FA71
FH74 GA2G